云 南 植 物 研 究 2007, 29 (2): 237～242
Acta Botanica Yunnanica

金耳与其近似种的 rDNA-ITS 序列分析

刘春卉, 瞿伟菁*, 张 雯
(华东师范大学生命科学学院, 上海 200062)

摘要: 对金耳 (*Tremella aurantialba*) 的担子果、酵母状分生孢子培养物和菌丝培养物的核糖体DNA内部转录间隔区 (ITS) 序列进行 PCR扩增和测序。结果表明金耳担子果的 ITS 区 PCR 产物均为碱基数不同的两条带, 片段长度和序列与酵母状分生孢子培养物、菌丝培养物一致。通过对 ITS1 和 ITS2 联合进行系统发育分析表明金耳酵母状分生孢子培养物归属于银耳属的金耳, 参与组成担子果的寄主菌丝为毛韧革菌 (*Stereum hirsutum*)。结合 GenBank 中登录的金黄银耳、脑状银耳、橙黄银耳等近似种构建了的系统发育树, 结果支持形态学证据, 表明金耳是一个独立种。

关键词: 担子果; 银耳属; 韧革菌属; ITS 序列; 种类辨析
中图分类号: Q 943　　**文献标识码**: A　　**文章编号**: 0253-2700 (2007) 02-237-06

Analyses of *Tremella aurantialba* (Tremellaceae) and Its Analog Species Inferred from ITS Sequences

LIU Chun-Hui, QU Wei-Jing*, ZHANG Wen
(*School of Life Science, East China Normal University*, Shanghai 200062, China)

Abstract: rDNA ITS (ITS1 and ITS2) fragments of the basidiocarps, anamorph blastospores and mycelia isolates from *Tremella aurantialba* were amplified by PCR and then were sequenced. The results showed that ITS fragment of basidiocarps contained two bands with different number of bases: one was identical with ITS sequences of the anamorph blastospore isolates, and another was identical with ITS sequences of the mycelium isolates. Phylogenetic analysis based on ITS1 and ITS2 sequences indicated that the anamorph blastospore isolates is *Tremella aurantialba* and the mycelia isolates, the host fungus of *T. aurantialba*, is *Stereum hirsutum*. Phylogenetic trees were constructed by using sequences of *T. aurantialba* and those of its analog species *T. aurantia*, *T. encephala* and *T. mesenterica* in GenBank. All the results revealed that *T. aurantialba* is an independent species, which is consistent with the morphological evidence.

Key words: Basidiocarps; *Tremella*; *Stereum*; ITS sequences; Identity

金耳 (*Tremella aurantialba* Bandoni & Zang.) 担子果大型, 全体呈脑状至分裂为数个具深沟槽而粗厚的裂瓣。单生或群生在阔叶林及针阔叶混交林中壳斗科栎属朽木上, 与毛韧革菌 (*Stereum hirsutum* (Willd.) Fr.) 菌丝共同形成担子果 (Bandoni and Zang, 1990)。由于金耳颜色和外形与同属的橙黄银耳 (*Tremella mesenterica* Retz.: Fr.)、金黄银耳 (*Tremella aurantia* Schw.: Fr)、脑状银耳 (*Tremella encephala* Pers.) 极为相似不易区别 (彭寅斌, 1986), 因此原产于中国的金耳种质资源直至 1990 年才得以确认并正式定名 (Bandoni and Zang, 1990)。金耳引种驯化和段木栽培方面的报道较多, 但产量低, 技术难度大, 原因是制种无效率极高, 金耳与其寄主菌丝未进行有效搭配造成, 单纯采用形态学特征还不能解决有效菌种的鉴定 (刘正南, 1985; 桂明英等, 2000)。

---

* **通讯作者**: Author for correspondence; E-mail: wjqu@bio.ecnu.edu.cn; Tel: 021-62232019

收稿日期: 2006-05-18, 2006-10-12 接受发表

作者简介: 刘春卉 (1970-) 女, 博士研究生, 副研究员, 主要从事资源植物化学研究。E-mail: liuchunhui66@sohu.com

核糖体 DNA 内部转录间隔区（internal transcribed spacers，ITS）是核糖体中介于 18S 和 5.8S 之间（ITS1）以及 5.8S 和 28S（酵母为 25S）之间（ITS2）的非编码转录间隔区，与长度较长(分别为 1 800 bp 和 3 200 bp）的 18SrDNA 和 28S (25S) rDNA 相比中度保守的 ITS 序列较适合于种下及种间关系的研究，成为系统发育重建的重要信息来源（Hillis and Dixon，1991；Gardes and Bruns，1993），迄今有许多国内外学者用此区域的序列研究真菌的种间系统发育关系和分子分类，并在种间的亲缘关系和疑难种的确定上得到了大量有价值的结论（沙涛等，2004；田欣和李德铢，2002）。检索 GenBank 数据库，金耳近似种（*T*. *aurantia*、*T*. *encephala*、*T*. *mesenterica*）的 ITS 序列均已登录（分别为 AF444315、AF410474、AF444433 等），而金耳（*T. aurantialba*）的 ITS 序列尚无记载。从分子遗传视角搞清金耳与伴生菌的遗传关系和种间地区差异以及近似种的遗传信息的异同，不仅可丰富共享资源库的信息，为菌物分类提供分子遗传学的基础依据，也助于深入搞清担子果的发生机理和改良人工栽培技术。为此从原产于横断山区的云南金耳入手，结合 GenBank 数据库中现有的同属近似种的 ITS 序列，对其进行 BLAST 搜索比对，选择相似序列构建进化树，为系统分类和分子进化研究中的潜在地位及制种和种质鉴定提供可能的依据和补充。

1 材料和方法

1.1 材料来源

研究材料金耳担子果采自云南丽江，由中科院昆明植物研究所臧穆研究员鉴定。

1.2 取材

担子果（编号为 A1）经表面消毒后无菌切取组织块置于 PDA 培养基上培养 7 天，挑取组织块附近的黄色绒毛毡状菌丝部分得到菌丝培养物，编号为 A12。采用悬挂法弹射孢子培养 2 天的酵母状分生孢子培养物（简称分生孢子），收集所有培养物用于提取 DNA，编号 A13。A3 菌丝斜面培养物（本室保存由云南昆明食用菌所刘正南先生惠赠）、A10 菌丝斜面培养物（购自中国农业菌种保藏中心，编号为 ACCC50676）。

1.3 总 DNA 提取

总 DNA 提取基本依照氯化苄法（朱衡等，1994）。

1.4 rDNA ITS 区的扩增、纯化和测序

采用双向 PCR 反应扩增 ITS1-5.8S rDNA-ITS2 整个片段，用 18S rDNA 3′端引物作上游引物 ITS1：5′-CGTAACAAGGTTTCCGTAGG-3′，用 28S rDNA 5′端引物作下游引物 ITS4：5′-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3′。反应体系（50 μL）：模板：5×10^{-9} g，引物 ITS 1 和 ITS 4（2×10^{-5} mol/L）各 1 μL，10×PCR 缓冲液（pH 8.3）5 μL，dNTP (0.01 mol/L) 4 μL，Taq 酶（5 U/μL）0.25 μL (上海生工引物和 Marker，大连宝生物公司 Taq 酶和 dNTP)，无菌双蒸水定容至 50 μL，加好后上盖石蜡油 25 μl。扩增条件：94℃预变性 5 min，94℃ 1 min，55℃ 45 s，72℃ 1 min，循环 30 次，72℃延伸 5 min，产物于 4℃保存。Agrose 琼脂糖凝胶电泳检查产物（Marker 分子量范围 100～1 200 bp)，产物纯化回收（北京鼎国公司 PCR 产物试剂盒)，每样平行重复 5 次以上，另设 PCR 阴性对照组、A12 + A13 组。纯化后的产物以与 PCR 相同的引物双向直接测序和克隆测序（华大基因上海鼎安公司完成)。

1.5 DNA 序列与系统发育分析

所测序列经校对后与从 GenBank 下载的序列（表 2，3）一起用 DNAStar 软件包进行多重比对分析。根据比对结果和 Blastn 的分析结果，分别确定 ITS1 和 ITS2 的分界，去掉两端的 18S、28S rDNA 的部分序列和 5.8S 序列，利用 PAUP 4.0b8 软件进行 ITS1 和 ITS2 的分区同质性检测（partition homogeneity test），$P = 0.9$，表明两者可以合并，因此将 ITS1 和 ITS2 合并用于分析。用 Modeltest V3.06 进行 DNA 碱基替换模型筛选，Akaike Information Criterion (AIC) 标准的最佳模型为 K80。基于该模型，用 PAUP 构建 ML 系统发育树，并进行 100 个重复的自展检验。同时用 MEGA 2.1 计算遗传距离并得到 NJ（neighbor joining）树和 MP（maximum parsimony）树的 1000 个重复的自展检验值。

2 结果

2.1 金耳的形态特征

担子果高 3～3.5 cm，长 7～10 cm，宽 5～10 cm，表层橙黄色胶质，裂片厚，裂片中间有白色的肉质寄主菌丝区，剖面外层橙黄色胶质，内部白色肉质；子实层遍生外露表层，成熟下担子 18～22×16～21 μm，球形或近球形，十字型纵分隔，顶生；上担子圆筒形，长约 20～50 μm，直径 2～3 μm，担孢子球形或卵形，有小尖，8～13×7～10 μm；分生孢子酵母状，行出芽生殖，2～3 μm。

2.2 ITS 区段的 PCR 产物电泳结果

担子果的 ITS1-5.8S-ITS2 片段 PCR 产物结果为两条条带，片段大小各自与分生孢子和菌丝培养物分别对应，表明担子果由两种不同核型的细

胞组成。金耳菌丝培养物 A3、A10、A12 的 ITS1-5.8S-ITS2 片段 PCR 产物结果均为单一条带，分子量在 600 bp 左右。分生孢子的 A13 的 ITS1-5.8S-ITS2 片段 PCR 产物结果也均为单一条带，分子量在 500 bp 左右。阴性对照无扩增条带，表明 PCR 反应体系无污染。

2.3　ITS 长度及碱基序列差异

对每条带分别纯化回收，共得到 6 条 ITS 和 5.8SrDNA 完整序列，担子果 A1 的两条 ITS1-5.8S-ITS2 序列与 A13 和 A12 相同，分别为 467 bp、548 bp，测序结果表明 A1 的 ITS 序列由 A13 和 A12 两条 ITS 序列共同组成。金耳与寄主菌的 5.8S 序列区长度相等，ITS 和 5.8S rDNA 全序列的总 GC 含量差异较小，提示两物种在长期进化中较为同步。从表 1 知，组成金耳担子果的两条 ITS 序列长度和 G + C 含量存在明显差异，可以认为同一担子果中存在两个不同的物种，与形态学鉴别的金耳担子果中有寄主菌丝存在吻合。

2.4　金耳与近似种 ITS 序列长度和 GC 含量比较

BLAST 检索结果表明 GenBank 中尚无该物种的数据资料，将其在 GenBank 进行了登录注册。表 2、3 列出了检索获得的近似种碱基含量及 GenBank 注册号。BLAST 同源检测结果发现金耳的分生孢子与金黄银耳（*T. aurantia*）具有高度同源性，寄主菌丝分离物与粗毛韧革（*S. hirsutum*）具有高度同源性。碱基含量比较表明金耳与近似种金黄银耳的 A%、T%、G%、C% 十分接近。ITS1 的碱基 C 含量普遍高于 G，A 与 T 含量较接近，ITS2 的碱基 T 含量普遍高于 A，G 与 C 含量较接近，提示研究对象在进化历程中的碱基替换具有一致性。选取了银耳属二态型模式种橙黄银耳（*T. mesenterica*）及其寄主血韧革菌（*S. sanguinolentum*）作为分子分析的参照。

2.5　金耳及近似种的 Kimura 进化距离

表 4 为采用 Kimura 2-parameter 对 13 个 ITS 序列两两配对获得的距离矩阵 Pairwise distances。从获得的 ITS1 + ITS2 之间进化距离来看，金耳与金黄银耳 CBS6965 之间为 0.026 - 0.03，金耳与脑状银耳之间为 0.071 - 0.094，金耳与橙黄银耳之间为 0.727 - 0.741，从金耳与各近似种的距离来看，金耳与金黄银耳的亲缘关系最近。金耳寄主菌丝 A12 与粗毛韧革 AFTOLID492 的距离均为 0.013 - 0.016，符合同种不同地理株的序列特征，与 3 种血韧革菌（*S. sanguinolentum*）距离为 0.076 - 0.086，血韧革菌是脑状银耳和橙黄银耳的寄主，由此也与金耳的寄主粗毛韧革得以区别。

2.6　金耳及近似种的系统学分析

将表 2 所列的 7 个近似种、表 3 所列的 7 个寄主种的 ITS1、ITS2 序列采用 PAUP4.0b8 分析软件分别作最大简约分析，空位（gap）作缺失

表 1　供试种的 ITS 序列长度和 G + C 含量比较

Table 1　Lengths (bp) and G + C% of ITS1 and ITS2 of strains

材料 Material	ITS1		ITS2		5.8SrDNA		Total ITS	
	Size/bp	G + C (%)	Size/bp	G + C (%)	Size/bp	G + C (%)	Size/bp	G + C (%)
A1	110	41.82	199	49.25	158	43.67	467	45.61
A13	110	41.82	199	49.25	158	43.67	467	45.61
A3	187	44.92	210	49.05	158	46.20	555	46.85
A10	187	44.92	210	49.05	158	46.20	555	46.85
A12	187	45.45	203	51.72	158	46.20	548	47.99

表 2　*T. aurantialba* 和从 GenBank 获取的近似种 ITS1 和 ITS2 碱基组成及 GenBank 序列注册号

Table 2　Base composition and accessions of ITS1, ITS2 from *T. aurantialba* and its analog species from GenBank

种类 Species	A (%)		T (%)		C (%)		G (%)		ACCESSION No. (GenBank)
	ITS1	ITS2	ITS1	ITS2	ITS1	ITS2	ITS1	ITS2	
T. aurantialba	29.09	20.60	29.09	30.15	24.55	25.63	17.27	23.62	DQ400104
T. aurantia CBS6965	27.27	21.11	29.09	30.65	24.55	25.13	18.18	23.12	AF444315(G)
T. encephala CCJ925	35.71	21.28	26.79	28.19	22.32	28.19	15.18	22.34	AF042404(G)
T. encephala CCJ897	35.71	20.74	27.68	28.72	21.43	27.66	15.18	22.87	AF042402(G)
T. mesenterica CBS6973	33.02	20.90	18.87	17.51	21.70	36.72	26.42	24.86	AF042448(G)
T. mesenterica CBS6974	33.33	20.45	19.05	17.05	21.90	37.50	25.71	25.00	AF042443(G)
T. microspora BPI702328	29.09	20.60	29.09	31.16	24.55	25.63	17.27	22.61	AF042435(G)

标记为 G 的序列为来自 GenBank 的序列

表3 *T. aurantialba* 的寄主菌 *S. hirsutum* 和从 GenBank 获取的近似种 ITS1 和 ITS2 碱基组成及 GenBank 序列注册号

Table 3 Base composition and accessions of ITS1, ITS2 from *S. hirsutum* (specific-host of *T. aurantialba*) and its analog species in GenBank

种类 Species	A (%)		T (%)		C (%)		G (%)		ACCESSION No. (GenBank)
	ITS1	ITS2	ITS1	ITS2	ITS1	ITS2	ITS1	ITS2	
S. hirsutum A3	25.67	18.10	29.41	32.86	25.67	24.29	19.25	24.76	DQ400106
S. hirsutum A10	25.67	18.10	29.41	32.86	25.67	24.29	19.25	24.76	DQ400106
S. hirsutum A12	25.67	16.75	28.88	31.53	26.20	25.62	19.25	26.11	DQ404323
S. hirsutum AFTOL-ID492	25.67	16.75	29.41	31.53	25.67	25.62	19.25	26.11	AY854063$^{(G)}$
S. sanguinolentum	24.88	17.41	26.37	30.85	27.36	26.37	21.39	25.37	AY089730$^{(G)}$
S. sanguinolentum WRCF-B12	24.88	17.41	26.37	31.34	27.36	25.87	21.39	25.37	AF218400$^{(G)}$
S. sanguinolentum olrim37	24.87	17.41	25.89	30.85	27.92	26.37	21.32	25.37	AY618670$^{(G)}$

标记为 G 的序列为来自 GenBank 的序列

表4 根据 ITS 变异计算的近似种的遗传距离 (Kimura 2-parameter)

Table 4 The genetic distances between paired species analyzed (Kimura 2-parameter) of ITS sequence variaiton

		1	2	3	4	5	6	7
1	*T. aurantialba* A1	—						
2	*T. aurantia* CBS6965	0.030	—					
3	*T. microspora* BPI702328	0.033	0.016	—				
4	*T. mesenterica* CBS6974	0.682	0.688	0.724	—			
5	*T. mesenterica* CBS6973	0.667	0.673	0.708	0.004	—		
6	*T. encephala* CCJ925	0.078	0.071	0.082	0.805	0.800	—	
7	*T. encephala* CCJ897	0.082	0.075	0.086	0.779	0.774	0.010	—

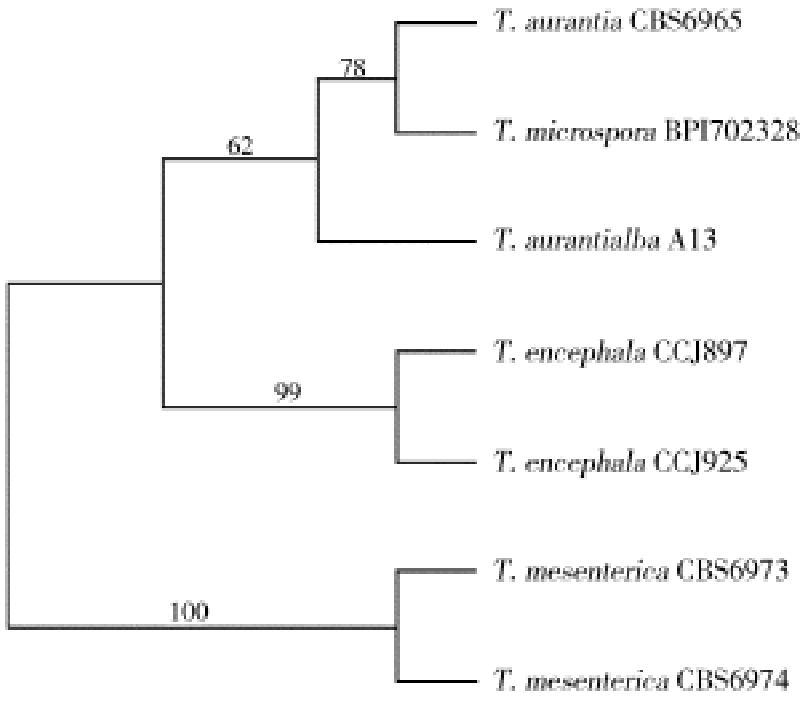

图1 据 ITS 序列数据构建的金耳与近似种 MP 严格一致树

Fig. 1 Strict consensus tree of *Tremella aurantialba* and its analog species deduced from ITS1 + ITS2 sequence data. Bootstrap values (% of 100 replicates) are calculated by maximum parsimony method, CI = 0.9744, RI = 0.9722, RC = 0.9473

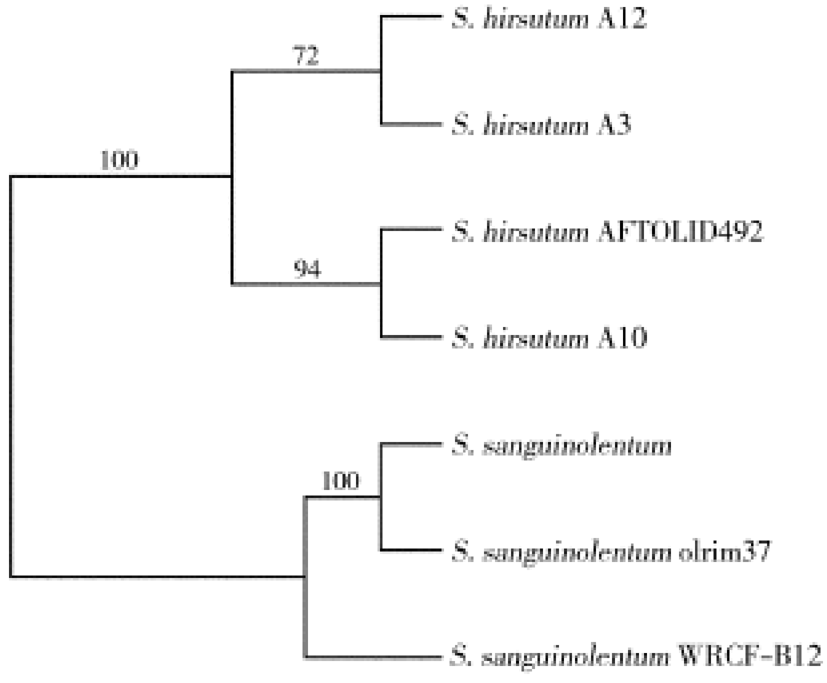

图2 据 ITS 序列数据构建的寄主 MP 严格一致树

Fig. 2 Strict consensus tree of host *Stereum hirsutum* deduced from ITS1 + ITS2 sequence data. Bootstrap values (% of 100 replicates) are calculated by maximum parsimony method, CI = 0.9737, RI = 0.9808, RC = 0.955

(missing) 处理，用启发式搜索，取 MP 严格一致树（图1、2），树长分别为 156、38。ITS1 + ITS2 序列重建的邻接树（NJ）与最大似然树（ML）和最简约树（MP）拓扑结构基本一致，分支上为 Bootstrap 重复 1000 次 > 50% 的支持强度。从图1 可知，金黄银耳首先和小孢银耳聚为一支，金耳聚在该分支的根部，脑状银耳聚为一支，橙黄银耳聚为一支。模式种橙黄银耳生活史出现单核酵母阶段和二核菌丝阶段（Flegel，1981），担孢子呈异步发育，反复出芽生殖，有亲和性的担孢子位置彼此靠近时即可形成接合管（Wong 等，1985），培养观察发现金黄银耳、金耳都有类似

现象存在，因此国内曾把 *T. aurantia* 和 *T. aurantialba* 的学名误定为 *T. mesenterica*（彭寅斌，1986；刘波，1992），图 1 中 ITS 序列分析结果支持 *T. aurantia*、*T. aurantialba* 与 *T. mesenterica* 分别为不同种。从图 2 可知，金耳的寄主以 100% 的 Bootstrap 支持率与粗毛韧革 *S. hirsutum* AFTOLID492 聚为一支，3 种血韧革菌 *S. sanguinolentum* 聚为一支，图 2 中 ITS 序列分析结果把参与组成子实体的脑状银耳和橙黄银耳的寄主血韧革菌与金耳寄主毛韧革菌区别开来。

3　讨论

中国特有种金耳学名定为 *T. aurantialba* 前曾存在长期误区，多源于邓叔群《中国的真菌》定名为黄金银耳（*T. mesenterica*），后经多位学者纠正，初由刘波更名为金黄银耳（*T. aurantia*）(彭寅斌，1986)，后被 Bandoni and Zang (1990) 定名为金耳（*T. aurantialba*），以示形态上的细微差别：金黄银耳子实体裂片薄，多为中空，剖面为金黄色胶质，内外一致，无白色核心，多分布于北美、加拿大、欧洲；金耳子实体裂片厚，裂片中间有白色的肉质寄主菌丝区，剖面外层橙黄色胶质，内部白色肉质，主产于西藏米林以东和横断山区的高山栎林。金黄银耳与金耳的显微形态差异为前者存在明显的棍状或一端膨大的棍棒状的担子和卵形担孢子。从构建的 ITS 系统进化树（图 1）来看，Bootstrap 值 62% 支持金耳为一个有效的独立种，支持形态学分类。小孢银耳担子果同质性，全体胶质，鲜时褐至黑色，叶状，垫状或平贴生，亚子实层含分生孢子，分生孢子大都球形，直径 2～4 μm，上担子和下担子有时产生许多芽生孢子，Lloyd 曾将其当作木耳属（*Auricularia*）的成员，Bandoni 后纠正为小孢银耳（*T. microspora*）(刘波，1992)。从 rDNA ITS 比对结果证明金黄银耳 ITS 片段与小孢银耳 ITS 以 78% Bootstrap 值聚为近缘种，支持 Bandoni 对小孢银耳的纠正。银耳属分种检索表（刘波，1992）中将脑状银耳和金耳同归于亲缘关系较近的种，形态特征描述为担子果异质性，外部胶质，内为肉质至纤维质的核心，担子果脑状至具块状裂瓣，外部胶质金黄色，内部白色至黄白色。脑状银耳生针叶树上，金耳生阔叶树倒木上，脑状银耳与金黄银耳区别在于寄主不同，在进化树图 1、2 中分别聚类，Bootstrap 值 100% 支持形态分类。黄金银耳聚为另外一个分支，Chen (1998) 依据形态学和分子系统发育进化证据把银耳属分为 5 个类别：Aurantia 类；Foliacea 类；Fuciformis 类；Indecorata 类和 Mesenterica 类，Aurantia 类与 Mesenterica 类的种由于外形近似容易混淆。Aurantia 类的特点为担子果大型；子实层和亚子实层的结构中等疏松；吸器丰富，但吸器菌丝细弱，稀有分枝；吸器菌丝穿插在担子果内部，伸入亚子实层；分生孢子若存在，一般为单核，包括金耳、金黄银耳、脑状银耳、小孢银耳等种。但 Mesenterica 类与 Aurantia 类比较区别为菌丝出现在子实层，亚子实层存在末端膨大的肿胀细胞，代表种为橙黄银耳。从图 1 来看，Aurantia 类的 4 个种与橙黄银耳以 100% 的 Bootstrap 支持值各自聚为不同分支，与形态分类一致，将几个近似种得到了很好的区别。

致谢　本文的部分分析工作得到华东师范大学的李宏庆老师、禹娜博士的热情帮助。

〔参　考　文　献〕

刘波编著，1992. 中国真菌志（第 2 卷）：银耳目和花耳目［M］. 北京：科学出版社，1—151

刘正南，1985. 对金耳及近邻种命名问题的商榷［J］. 食用菌，(6)：13—15

彭寅斌，1986. 金耳学名问题［J］. 食用菌，(3)：3—5

Bandoni RJ，1987. Taxonomic overview of the *Tremellales*［J］. *Studies Mycol*，**30**：87—110

Bandoni RJ，Zang M，1990. On an undescribed *Tremella* from China［J］. *Mycologia*，**82** (2)：270—273

Chen CJ，1998. Morphological and molecular studies in the genus *Tremella*［M］. *Bibliotheca Mycolog*，**174**：1—225

Flegel TW，1981. The pheromonal control of mating in yeast and its phylogenetic implication：a review［J］. *Can J Microbiol*，**27**：373—389

Gardes M，Bruns TD，1993. ITS primer with enhanced specificity for basidiomycetes. Application to the identification of mycorrbizae and rusts［J］. *Mol Ecol*，**2**：113—118

Gui MY（桂明英），Pu CX（浦春翔），Yang H（杨红），2000. The key technology of the bed-log cultivation of golden *Tremella*（*Tremella aurantialba*）［J］. *Edible Fungi Chin*（中国食用菌），**19** (5)：25—27

Hillis DM, Dixon MT, 1991. Ribosomal DNA: molecular evolution and phylogenetic inference [J]. *Q Rev Biol*, **66**: 411—453

Qu LH (屈良鹄), Chen YQ (陈月琴), 1999. Key to molecular taxonomy principles and method [J]. *Acta Sci Nat Univ Sunyatseni* (**中山大学学报**), **38** (1): 1—6

Sha T (沙涛), Ding HS (丁骅孙), Zhang HB (张汉波) *et al*. 2004. Identification of isolates from fruit bodies of *Tricholoma matsutake* by specific ITS prime [J]. *Acta Bot Yunnan* (**云南植物研究**), **26** (5): 524—528

Tian X (田欣), Li DZ (李德铢), 2002. Application of DNA sequences in plant phylogenetic study [J]. *Acta Bot Yunnan* (**云南植物研究**), **24** (2): 170—184

Wong GJ, Well K, Bandoni RJ, 1985. Interfertility and comparative morphological studies of *Tremella mesenterica* [J]. *Mycologia*, **77** (1): 36—49

Zhu H (朱衡), Qu F (瞿峰), Zhu LH (朱立煌), 1994. Isolation of genomic DNAs from using Benzyl Chloride [J]. *Acta Mycolog Sin* (**真菌学报**), **13** (1): 34—40

* * * * * * * * * * * * * * *

〔上接170页〕

2.6 对植物系统学与生物地理学稿件的要求: (1) 报道个别省级新分布或新记录种的稿件和描述单个新变种的稿件不接受发表, 报道二个及以上的中国新记录种的稿件可酌情考虑以简报的形式发表, 但篇幅不超过2个页码; (2) 关于单个种的核型分析稿件不再接受发表, 单种属的核型研究论文, 内容充实者和确有新意者可接受投稿。

2.7 对植物生态学与资源管理稿件的要求:

(1) 植物生态学稿件: 要求在系统综述国内外前期研究工作的基础上, 明确提出科学假设 (说), 制定与此相对应的研究方案, 通过野外调查 (监测)、实验室控制实验等方法采集数据, 在统计学分析结果的支持下, 验证作者提出的科学假设, 以解决关键科学问题, 为植物生态学的理论发展做出新贡献。没有具体科学目标的、描述性的植物群落学调查资料原则上不再接受发表。

(2) 植物资源管理稿件: 研究对象主要控制在物种、生态系统和景观水平。稿件分为两类: 第一类是应用生态学的基本原理, 研究或构建具有良好经济效益和生态效益的植物资源管理体系, 并分析其生态系统的功能和维持机制; 第二类是新开发的植物资源报道或系统整理 (包括物种 亚种 变种 品种、群落等), 应该明确说明资源的现状 (分布或储量)、用途、开发利用前景等。第二类稿件一般作为研究简报发表, 篇幅不超过3个印刷页。

2.8 对于植物生理与分子生物学稿件的要求:

要求论文的内容对认识植物具有重要的或新的生物学事件、过程的意义、功能有贡献, 不再接受仅仅描述配方改进、实验过程调整和测量数据堆砌的论文。

2.9 对植物化学稿件的几点要求:

(1) 原则上论文请用英文撰写; (2) 论文中要有新化合物; (3) 或已知化合物新的生物活性; (4) 若无新化合物, 但前人对其化学成分缺乏研究, 可以用简报的形式发表, 但篇幅不超过一个页码, 主要说明其中各种成分即可, 不必罗列大量分析数据和化学结构。

3 特别说明

3.1 鼓励通过本刊网上投稿系统(http://journal.kib.ac.cn)投稿, 也可通过Email发电子文件进行投稿, 稿件要求采用Word文档格式, 具体投稿要求和格式可从本刊网站下载。

3.2 综述性论文主要以主编或学科副主编约稿的形式获得, 并经审稿同意后发表。

3.3 为了加快稿件周期, 本刊在审稿程序中设有绿色通道, 学科副主编将在收到稿件的第一时间根据自己对稿件内容涉及的学科领域、稿件质量的判断, 提出稿件进入1) 正常审稿程序、2) 退稿或3) 进入绿色通道 (即直接向主编推荐接受, 优先刊登) 的建议。稿件的录用与否一般会在收到来稿2个月内及时给予通知。印刷稿不退, 请自留底稿及原图。

3.4 为使作者的稿件顺利通过审稿和及时发表, 请作者在撰写稿件时严格按我刊格式准备, 写作时做到思路清晰、逻辑严密、句子通顺、衔接过渡、前后呼应、凸显创新、详简适度。对格式不符、英文摘要不地道、输入文字错误较多、句子不通或思路不清晰的稿件, 编辑部将直接退稿, 待作者完善了相应部分后再进入审稿程序。

4 联系方式

地址: 昆明市黑龙潭昆明植物研究所内, 《云南植物研究》编辑部
邮政编码: 650204; 电话: (0871) 5223032; 传真: (0871) 5223032;
E-mail: bianji@mail.kib.ac.cn, http://journal.kib.ac.cn